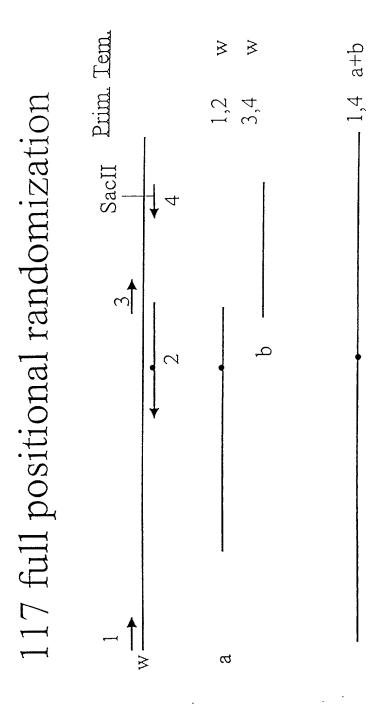
```
1 GCC TCT ACC CTC AAG TCT GGT TCT AAG GAA GTT GAG AAT CTC AAG AAG CCT TTC
                                                                 54
    A S T L K S G S K E V E N L K
                                                                 18
 55 ATG CCT CCT CGG GAG GTA CAT GTT CAG GTT ACC CAT TCT ATG CCA CCC CAA AAG
                                                                108
                                 V T H S M P P Q K
     M P P R E V H V Q
 109 ATT GAG ATC TTT AAA TCC CTA GAC AAT TGG GCT GAG GAG AAC ATT CTG GTT CAT
                                                                162
              F K S L D N W A E E N I L V H
                                                                 54
       E I
 163 CTG AAG CCA GTT GAG AAA TGT TGG CAA CCG CAG GAT TTT TTG CCA GAT CCC GCC
                                                                216
                                                                 72
                                P O D
                       C W Q
    LKPVEK
 217 TCT GAT GGA TTT GAT GAG CAA GTC AGG GAA CTC AGG GAG AGA GCA AAG GAG ATT
                                                                270
                                ELRERAKEI
    S D G F D E Q V R
 271 CCT GAT GAT TAT TTT GTT GTT TTG GTT GGA GAC ATG ATA ACG GAA GAA GCC CTT
                                                                324
             Y F V V L V G D M
                                                                108
                                             T
                                                Ε
    p D D
    CCC ACT TAT CAA ACA ATG CTG AAT ACC TTG GAT GGA GTT CGG GAT GAA ACA GGT
                                                                378
                       L N T L D G V R
379 GCA AGT CCG ACG TCT TGG GCA ATT TGG ACA AGG GCA TGG ACT GCG GAA GAG AAT
                                                                432
     A S P T S W A I W T R A W T A E E N
                                                                144
433 AGA CAT GGT GAC CTC CTC AAT AAG TAT CTC TAC CTA TCT GGA CGA GTG GAC ATG
                                                                486
                                                                162
    RHGDLLNKYLYL
487 AGG CAA ATT GAG AAG ACA ATT CAA TAT TTG ATT GGT TCA GGA ATG GAT CCG CGG
                                                                540
    RQIEKTIQYLIGS
541 ACA GAA AAC AGT CCA TAC CTT GGG TTC ATC TAT ACA TCA TTC CAG GAA AGG GCA
                                                                594
                                                                198
     T E N S P Y L G F I
                                                                648
595 ACC TTC ATT TCT CAT GGG AAC ACT GCC CGA CAA GCC AAA GAG CAT GGA GAC ATA
                                                                216
       F I S H G N T A R Q A K
                                             EHGDI
199
    AAG TTG GCT CAA ATA TGT GGT ACA ATT GCT GCA GAT GAG AAG CGC CAT GAG ACA
                                                                702
                                                                234
                       GTIAADE
    K L A Q I C
217
    GCC TAC ACA AAG ATA GTG GAA AAA CTC TTT GAG ATT GAT CCT GAT GGT ACC GTT
                                                                756
703
                                                                252
                                       I D
       YTKIVEKL
    TTG GCT TTT GCT GAT ATG ATG AGA AAG AAA ATT TCT ATG CCT GCA CAC TTG ATG
757
     L A F A D M M R K K I S M
                                                                270
253
    TAT GAT GGC CGA GAT GAT AAT CTT TTT GAC CAC TTT TCA GCT GTT GCG CAG CGT
                                                                864
     YDGRDDNLFDH
                                      F S
    CTT GGA GTC TAC ACA GCA AAG GAT TAT GCA GAT ATA TTG GAG TTC TTG GTG GGC
                                             E F
                                                                306
             YTAKDYAD
                                          L
                                                                972
    AGA TGG AAG GTG GAT AAA CTA ACG GGC CTT TCA GCT GAG GGA CAA AAG GCT CAG
       W K V D K L T G L S A E
                                                                324
307
    GAC TAT GTT TGT CGG TTA CCT CCA AGA ATT AGA AGG CTG GAA GAG AGA GCT CAA
                                                               1026
                          P R I R R L E E R A Q
                                                                342
325
1027 GGA AGG GCA AAG GAA GCA CCC ACC ATG CCT TTC AGC TGG ATT TTC GAT AGG CAA
                                                               1080
    G R A K E A P T M P F S W I F D R Q
                                                                360
343
                                                               1092
1081 GTG AAG CTG TAG
    V K L
361
```

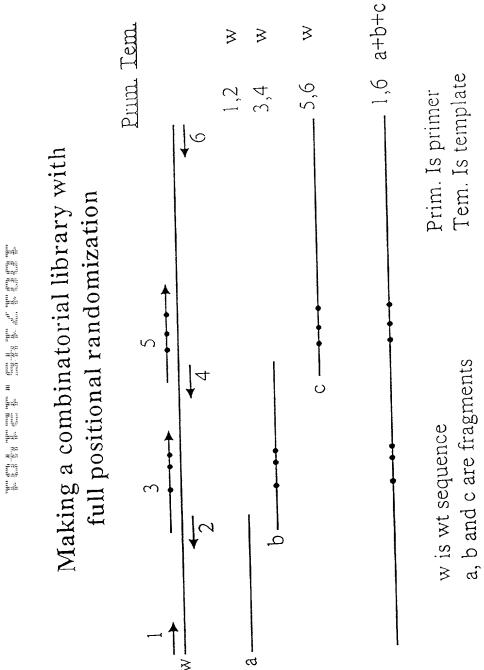
FIG. 1



w is wt sequence a, and b are fragments • is NNK codon

FIG. 2

≥



Prim. Is primer Tem. Is template

• is NNK codon

FIG. 3